

ISSN 2220-5896



Основан в 1921 г. как
«Труды Белорусского
государственного
университета»

Выходил до 1937 г.

Возобновлен в 2006 г.

Т Р У Д Ы

**Белорусского государственного
университета**

**«Физиологические,
биохимические и молекулярные основы
функционирования биосистем»**

Научный журнал

**Том 9
В двух частях**

Часть 2

Минск
2014

Учредитель – учреждение образования «Белорусский государственный университет»

В соответствии с решением коллегии Высшей аттестационной комиссии от 19.06.2008 (протокол № 17/7) журнал «Труды Белорусского государственного университета. Физиологические, биохимические и молекулярные основы функционирования биосистем» включен в Перечень научных изданий Республики Беларусь для опубликования диссертационных исследований по биологической отрасли науки.

Главный редактор

В.М. Юрин, д-р биол. наук, проф.

Зам. главного редактора

В.П. Курченко, канд. биол. наук

Секретарь

А.С. Чубарова, канд. биол. наук

E-mail: chubarova.hanna@gmail.com

Редакционный совет:

А.И. Албулов, д-р биол. наук, проф., акад. РАЕН (Россия);

С.В. Буга, д-р биол. наук, проф.;

В.П. Варламов, д-р хим. наук, проф., акад. РАЕН (Россия);

Л.В. Горовой, д-р биол. наук, проф. (Украина);

Н.С. Гурина, д-р биол. наук, проф.;

А.Н. Евтушенко, д-р биол. наук, проф.;

А.И. Зинченко, д-р биол. наук, проф., чл.-кор. НАН Беларуси;

А.В. Кильчевский, д-р биол. наук, проф., чл.-кор. НАН Беларуси;

В.А. Кульчицкий, д-р мед. наук, проф., чл.-кор. НАН Беларуси;

О.А. Ивашкевич, д-р хим. наук, проф., акад. НАН Беларуси;

Ф.А. Лахвич, д-р хим. наук, проф., акад. НАН Беларуси;

А.Г. Лобанок, д-р биол. наук, проф., акад. НАН Беларуси;

Фам Куок Лонг, д-р биол. наук, проф., ВАНТ (Вьетнам);

В.В. Лысак, канд. биол. наук, доц.;

Н.П. Максимова, д-р биол. наук, проф.;

А.И. Мелентьев, д-р биол. наук, проф. (Россия);

Д.И. Метелица, д-р хим. наук, проф.;

В.А. Прокулевич, д-р биол. наук, проф.;

В.М. Решетников, д-р биол. наук, проф., акад. НАН Беларуси;

Е.В. Спиридович, канд. биол. наук;

В.В. Титок, д-р биол. наук, проф.;

М.А. Титок, д-р биол. наук, проф.;

С.А. Усанов, д-р хим. наук, проф., чл.-кор. НАН Беларуси;

В.Д. Харитонов, д-р техн. наук, проф., акад. РАСН;

Нгуен Ван Хунг, д-р хим. наук, проф., ВАНТ (Вьетнам);

А.Г. Чумак, д-р биол. наук, проф.

Адрес редакции: 220030, г. Минск, пр. Независимости, 4, биологический факультет

Контактные телефоны: (017) 209-58-12 (главный редактор)

(017) 209-58-51 (тел./факс) (зам. главного редактора; секретарь)

E-mail: kurchenko@tut.by

Т Р У Д Ы

БЕЛОРУССКОГО ГОСУДАРСТВЕННОГО УНИВЕРСИТЕТА

2014

Том 9, часть 2

СОДЕРЖАНИЕ

МАТЕРИАЛЫ I МЕЖДУНАРОДНОЙ НАУЧНО-ПРАКТИЧЕСКОЙ КОНФЕРЕНЦИИ «МОНИТОРИНГ СОСТОЯНИЯ ПРИРОДНОЙ СРЕДЫ АНТАРКТИКИ И ОБЕСПЕЧЕНИЯ ДЕЯТЕЛЬНОСТИ НАЦИОНАЛЬНОЙ ЭКСПЕДИЦИЙ»

- Бородин О.И.* I Международная научно-практическая конференция «Мониторинг состояния природной среды Антарктики и обеспечения деятельности национальной экспедиций».....9
- Абакумов Е.В., Мухаметова Н.В.* Гумусовые кислоты антарктических почв.....10
- Абакумов Е.В., Лодыгин Е.Д., Габов Д.Н., Крыленков В.А.* Полициклические ароматические углеводороды в почвах антарктиды.....16
- Гигиняк Ю.Г., Бородин О.И.* Комплексные биологические исследования, проводимые белорусскими специалистами в Антарктике.....24
- Шендрик Т.В., Бородин О.И., Гигиняк Ю.Г.* Гельминтофауна *Trematomus newnesi* (*Actinopterygii nototheniidae*), добытая в бухте Лазурная, Антарктика.....32
- Сиренко Б.И., Гагаев С.Ю., Смирнов И.С.* Сравнение мелководных донных сообществ морей Росса, Дейвиса, Космонавтов и Содружества по доминирующим видам антарктических беспозвоночных животных.....39
- Андреев М.П., Курбатова Л.Е.* Криптогамная флора массива Клеменс (ледник Ламберта, Континентальная Антарктика).....49
- Мямин В.Е., Никитина Л.В., Чернявская М.И., Занюк А.А., Титок М.А., Лозюк С.К., Сидоренко А.В., Валентович Л.Н., Долгих А.В.* Микробиологические исследования в районе участка вечерний оазиса холмы тала (восточная Антарктида).....58
- Панин А.Л., Белов А.Б., Краева Л.А., Болехан В.Н., Владимирова Н.Г., Гончаров А.Е., Власов Д.Ю., Тешебаев Ш.Б., Шаров А.Н., Толстиков А.В.* Микробиологический мониторинг Антарктиды как предиктор рисков изменения климата земли.....68
- Багманян И.А., Мямин В.Е., Гигиняк Ю.Г., Бородин О.И., Курченко В.П.* Возможная роль меланинов в адаптации лишайников к экстремальным факторам Антарктиды.....82

**МАТЕРИАЛЫ МЕЖДУНАРОДНОЙ НАУЧНОЙ КОНФЕРЕНЦИИ
«ТАКСОНОМИЯ, ЭКОЛОГИЯ И ЗООГЕОГРАФИЯ НАСЕКОМЫХ ЕВРАЗИИ.
СТРУКТУРА И ДИНАМИКА БИОЛОГИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ НАСЕКОМЫХ
БЕЛАРУСИ»**

- Буга С.В.* Международная научная конференция «Таксономия, экология и зоогеография насекомых Евразии. Структура и динамика биологического разнообразия насекомых Беларуси».....90
- Хвир В.И.* *Sceliphron curvatum* (Hymenoptera, Sphecidae) – новый вид роющих ос для фауны Беларуси.....91
- Рогинский А.С., Синчук О.В., Сауткин Ф.В., Буга С.В.* Распространение и вредоносность каштановой минирующей моли (*Cameraria ohridella* Deschka, dimiç) в зеленых насаждениях Беларуси.....95
- Петров Д.Л.* Структура сообщества энтомофагов *Eriosoma ulmi* (L.) на *Ulmus glabra* (Huds.) в условиях зеленых насаждений Беларуси.....104
- Сауткин Ф.В., Синчук О.В.* Оценка уровня вредоносности *Phyllonorycter robiniella* (Clemens, 1859) – вредителя робинии обыкновенной (*Robinia pseudoacacia* L., 1753) в условиях зеленых насаждений разных районов интродукции растений в Беларуси.....110
- Тихонов В.Г.* Чешуекрылые насекомые (*Lepidoptera*) – фитофаги черники (*Vaccinium myrtillus* L.) и голубики топяной (*Vaccinium uliginosum* L.): современное состояние изучения таксономического состава комплекса.....116
- Жоров Д.Г., Сауткин Ф.В., Буга С.В.* Распространение *Therioaphis tenera* (Aizenberg, 1956) (Sternorrhyncha: drepanosiphidae) в условиях зеленых насаждений Беларуси.....124
- Воронова Н.В., Жук Р.Ю.* Особенности поведения персиковой тли (*Myzus persicae* Šulzer, 1776) при выборе кормового растения в условиях эксперимента.....130
- Воробьева М.М., Супранович П.К., Воронова Н.В.* Генетическая вариабельность аборигенных и инвазивных видов тлей родов *Macrosiphum* Pass. и *Brachycaudus* van der Goot.....135
- Полетаев А.С.* Сравнение фенотипических особенностей речного окуня (*Perca fluviatilis* L., 1758) различных водных объектов минской области республики Беларусь и предполагаемые факторы, влияющие на изменчивость его криптической окраски.....143

**МАТЕРИАЛЫ МЕЖДУНАРОДНОЙ НАУЧНО-ПРАКТИЧЕСКОЙ КОНФЕРЕНЦИИ
«НОВЫЕ ДОСТИЖЕНИЯ В ИССЛЕДОВАНИИ ПОЛИСАХАРИДОВ
И ПЕРСПЕКТИВЫ ИХ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ В МЕДИЦИНЕ, СЕЛЬСКОМ
ХОЗЯЙСТВЕ И ДРУГИХ ОТРАСЛЯХ» (НАРОЧАНСКИЕ ЧТЕНИЯ-10)**

- Курченко В.П.* Международная научно-практическая конференция «Новые достижения в исследовании полисахаридов и перспективы их использования в медицине, сельском хозяйстве и других отраслях» (Нарочанские чтения-10).....151

| | |
|---|-----|
| <i>Литвяк В.В., Ловкис З.В.</i> Фундаментальные и прикладные исследования крахмала и крахмалопродуктов..... | 152 |
| <i>Юркитович Т.Л., Соломевич С.О., Бычковский П.М., Голуб Н.В., Алиновская В.А., Костерова Р.И.</i> Изучение механизма синтеза гелеобразующего декстрана с фосфорнокислыми и карбаматными группами..... | 164 |
| <i>Лодыгин А.Д., Евдокимов И.А.</i> Теория и практика направленного синтеза олигосахаридов в молочном лактозосодержащем сырье..... | 173 |
| <i>Буткевич Т.В., Варламов В.П., Евдокимов И.А., Алиева Л.Р., Курченко В.П.</i> Использование хитозана в производстве молочных продуктов..... | 181 |
| <i>Шипулин В.И., Храмов А.Г., Лупандина Н.Д., Барсуковская Т.А.</i> Биотехнологические аспекты совершенствования технологии сырокопченых колбас с использованием многоцелевых функциональных модулей..... | 191 |
| <i>Пушкина Н.В., Курченко В.П.</i> Влияние предпосевной электромагнитной обработки на всхожесть семян кукурузы..... | 198 |
| <i>Пушкина Н.В., Шиманский Л.П., Курченко В.П.</i> Влияние различных режимов предпосевной обработки электромагнитным полем сверхвысокочастотного диапазона на всхожесть кукурузы..... | 203 |
| <i>Власенко Е.К.</i> Токсикологическая характеристика гексилового эфира 5-аминолевулиновой кислоты в условиях хронического воздействия на белых крысах и в пролонгированном эксперименте <i>in vitro</i> | 209 |
| <i>Власенко Е.К., Сычик С.И., Стельмах В.А., Грынчак В.А.</i> Токсикологическая оценка гексилового эфира 5-аминолевулиновой кислоты при различных путях и режимах однократного воздействия..... | 218 |
| <i>Головач Т.Н., Козич О.Г., Асафов В.А., Таньков Н.Л., Исакова Е.Л., Мяленко Д.М., Харитонов Д.В., Курченко В.П.</i> Нативное и ферментированное коровье молозиво как компонент продуктов функционального назначения | 224 |
| РЕФЕРАТЫ | |

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ВАРИАБЕЛЬНОСТЬ АБОРИГЕННЫХ И ИНВАЗИВНЫХ ВИДОВ ТЛЕЙ РОДОВ *MACROSIPHUM* PASS. И *BRACHYCAUDUS* VAN DER GOOT

М.М. Воробьева, П.К. Супранович, Н.В. Воронова

Белорусский государственный университет, Минск, Беларусь
masch.89@mail.ru; supranovich.polina@yandex.ru; nvoronova@gmail.ru

Введение

Настоящие тли (Homoptera, Aphidoidea) – один из таксонов равнокрылых хоботных насекомых, успешно освоивших в качестве кормовых растений практически все группы семенных растений. Как известно, тли обладают высоким уровнем экологической, а, часто, и морфологической пластичности. Многие виды способны к модификациям своего биологического цикла, что позволяет им успешно приспосабливаться к меняющимся условиям среды [1, 2]. Наличие в жизненном цикле, наряду с бескрылыми самками, крылатых особей-расселительниц, позволяет тлям в процессе миграции осваивать новые территории и новые доступные кормовые объекты. Способность к облигатному партеногенетическому размножению дополнительно обеспечивает высокий репродуктивный потенциал и поставляет материал для естественного отбора. Как результат этих адаптаций, усугубляющихся активной интродукцией кормовых растений в новые регионы и климатические зоны, в настоящее время отмечается расширение ареалов многих видов тлей и, соответственно, увеличение их суммарной вредоносности [3].

В зависимости от характера географического распространения среди тлей можно выделить виды с ограниченным (региональным), широким (транс- и межконтинентальным) и (суб)космополитным распространением. Кроме того выделяются виды, в настоящее время активно расширяющие свой ареал, в том числе, осуществляющие, благодаря антропоическому фактору, инвазии на новые территории. Большая розанная тля (*Macrosiphum rosae* Linnaeus, 1759) является субкосмополитом, расширившим свой ареал благодаря деятельности человека [4]. Это факультативно двудомный вид тлей, который повреждает шиповники и розы (*Rosa* spp.), а также в качестве вторичных кормовых растений – ворсянковые (Dipsacoideae), кипрейные (Onagraceae) и валериану (*Valeriana*). В Беларуси *M. rosae* характеризуется высокой степенью вредоносности, поскольку активно повреждает розы, в том числе в условиях закрытого грунта при коммерческом выращивании, а также обеспечивает трансмиссию вирусов, приводящих к вырождению ценных сортов. В Беларуси обычен также сестринский для *M. rosae* вид – *Macrosiphum knautiae* Holman, 1972, который, однако, локально распространен на территории Европы, является облигатно однодомным и повреждает исключительно ворсянковые, не заселяя розы. Алычовая тля (*Brachycaudus divaricatae* Shar., 1956), принадлежащая к той же трибе тлей, является инвазивным для территории Беларуси видом, первичный ареал которого ограничивался Закавказьем и прилегающими регионами Малой, Передней и Средней Азии [5]. В 2002 г. этот вид был зарегистрирован на территории Литвы [6], в 2004 г. – Польши [7, 8] и уже в 2008 г. – Беларуси [9]. К настоящему времени *B. divaricatae* широко распространился по всей территории Беларуси и наносит существенный вред алыче (*Prunus divaricate* Ldb s.l.) в садовых и декоративных насаждениях.

В ранее опубликованных нами работах были представлены результаты изучения уровня изменчивости морфометрических параметров в популяциях тлей *M. rosae/knautiae* и *B. divaricatae* фауны Беларуси [10, 11]. Так как генетические процессы, происходящие на популяционном уровне у выше представленных видов тлей, изучены плохо, в рамках данного исследования было решено оценить общую генетическую изменчивость в популяциях тлей, отличающихся микроэволюционной историей – субкосмополитов, локально распространенных и инвазивных. Для этого, как сказано выше, были выбраны три

вида трибы Macrosiphini, присутствующие в рецетной афидофауне Беларуси, и проведен сравнительный анализ уровня генетической вариабельности между популяциями из географически удаленных территорий (Беларусь и Армения).

Методы исследования

Сборы тлей исследуемых видов провели 2008–2014 гг. на территории всех шести административных областей Беларуси (Брестской, Гомельской, Гродненской, Витебской, Могилевской, Минской) и г. Минска. Для сравнения использованы образцы, коллектированные на территории четырех административных областей Республики Армения (Арагаотнской, Котайкской, Тавушской и Сюникской) Г.А. Карагян и А.Э. Айвазян, за что мы им чрезвычайно признательны. Тлей рода *Macrosiphum* коллектировали с *Rosa glauca* Poir. и др., а также *Knautia arvensis* L., *B. divaricatae* – с *P. divaricata*.

Для выделения ДНК использовали набор DNA Purification Kit (Thermo scientific), адаптировав методику производителя для работы с единичными насекомыми.

В рамках данного исследования использовали высоко консервативные белок-кодирующие участки гена субъединицы 1 цитохром-с-оксидазы COI и микросателлитные повторы (Short Tandem Repeats), представляющие собой высокополиморфные участки генома.

Аmplификацию гена COI провели с использованием праймеров, предложенных О. Фолмером и соавторами: HCO2198 (TAAACTTCAGGGTGACCAAAAATCA) и LCO1490 (GGTCAACAATCATAAAGATATTGG) [12]. ПЦР осуществляли в режиме: 94 °C – 3 мин; 35 циклов по 94 °C – 20 сек, 50 °C – 30 сек, 72 °C – 90 сек; 72 °C – 5 мин.

Для микросателлитного анализа использовали праймеры к низкоаллельным STR-локусам (таблица 1), предложенные Ф. Рабуди и соавторами [13].

Таблица 1 – Праймеры, использованные для получения STR-фрагментов

| Локус | Мотив | Последовательность, 5'-3' |
|------------|--------------------|--|
| <i>Me1</i> | (GT) ₁₇ | TTCGCGAAAACTTTATGACC/TCGCTGCGTTCCTATACTACC |
| <i>Me5</i> | (CT) ₁₄ | GCAAATATTAAGGGTACAG/CCAATTAACAACCTTCGTGG |
| <i>Me7</i> | (AC) ₁₃ | TTAAGTCACTGCCGGTTCG/ATTAGCTCGAGCTCGTAC |
| <i>Me9</i> | (TG) ₁₄ | AGCGAACCTCCCCTAATAG/GCACAATAAGCTCGAGTGC |

ПЦР проводили в режиме: 94°C – 2 мин; 40 циклов по 94 °C – 1 мин, 54 °C – 1 мин, 72 °C – 1 мин; 72 °C – 5 мин. Реакционная смесь для всех ПЦР содержала в 25 мкл: 12,5 мкл 2×MasterMix (Праймтех), по 0,5 мМ каждого праймера.

Секвенирование ДНК осуществляла компания Макроген (Нидерланды) с использованием тех же праймеров, что были применены для получения фрагмента. Множественное выравнивание, статистический анализ последовательностей и построение филограммы провели в программе MEGA6. Выравнивание последовательностей осуществили по алгоритму MUSCLE, филогенетические деревья строили с использованием метода минимума эволюции (ME). При расчете генетических дистанций и построении дендрограмм были использованы последовательности для иных видов тлей, полученные из GenBank; коды последовательностей приведены в тексте. Определение длин STR фрагментов провели по электрофореграммам ПЦР-продуктов с использованием программы GelQuest 3.2.1. В приложении ClusterVis 1.8.2 программы GelQuest на основе взвешенных Эвклидовых дистанций создали бинарную дистанционную матрицу и построили кладограмму.

Результаты и обсуждение

Провели сравнение нуклеотидных последовательностей *M. rosae* в области с 75 по 531 нуклеотид полного гена образцов, коллектированных в Беларуси, с образцами из Канады [KR044630], Франции [KF639508] и Греции [JX966063]. Для оценки сходства нуклеотидных последовательностей тлей, коллектированных на разных территориях, построили кладограмму, содержащую информацию о длине ветвей. В качестве внешней группы для

рода *Macrosiphum* были приняты (рисунок 1) два близких вида рода *Myzus*: *Myzus cerasi pruniavium*, *Myzus cerasi cerasi*.

Результаты кластерного анализа указывают на то, что по нуклеотидным последовательностям тли *M. rosae* из Беларуси наиболее близки к коллектированным в Канаде [KR044630].

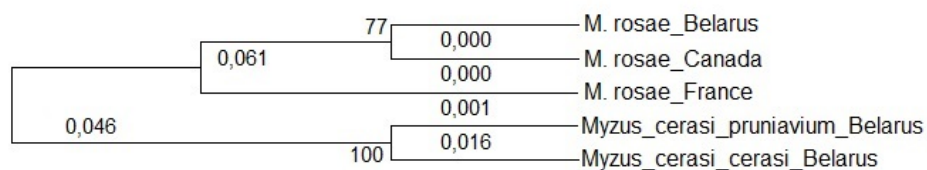


Рисунок 1 – Дендрограмма сходства нуклеотидных последовательностей тлей вида *Macrosiphum rosae*, коллектированных на разных территориях

Всего у исследуемых тлей было обнаружено 3 гаплотипа COI. В частности в результате анализа нуклеотидных последовательностей оказалось, что тли из Беларуси идентичны собранным в Канаде и Греции, однако, отличаются от *M. rosae* из Франции одной нуклеотидной заменой: 444G↔A (99,9% нуклеотидного сходства) (рисунок 2).

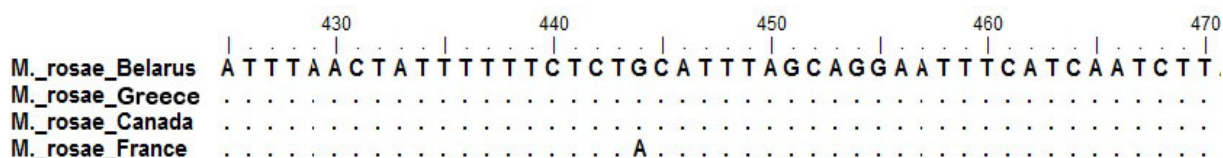


Рисунок 2 – Участок нуклеотидной последовательности COI *Macrosiphum rosae* коллектированных в Беларуси, Греции, Канаде и Франции

Парные генетические дистанции между сравниваемыми последовательностями *M. rosae* варьировали от 0,000 до 0,003.

Для изучения внутривидовой вариабельности *M. knautiae* провели аналогичное сравнение последовательностей гена COI тлей из Беларуси с последовательностями, полученными из GenBank. В частности были использованы последовательности *M. knautiae*, коллектированных в Литве. В результате было установлено, что *M. knautiae*, коллектированные в Беларуси и Литве [GQ200440], идентичны (100% нуклеотидного сходства).

Как известно, *M. rosae* и *M. knautiae* являются сестринскими видами, т.е. имеют общее происхождение [10]. Однако в результате эволюции происходит частичное дробление их экологической ниши. Как указывалось выше, *M. rosae* сохранил связь с первичным кормовым растением – роза, а *M. knautiae* полностью переключился на травянистые. В ранее представленных работах указывалось, что *M. rosae* и *M. knautiae* морфологически близкие представители рода, поэтому в рамках настоящего исследования был проведен сравнительный анализ нуклеотидных последовательностей тлей, коллектированных на территории Беларуси. Сравнение провели в области с 73 по 531 нуклеотид полного гена. В результате на этом участке COI были выявлены две нуклеотидные замены: 100C↔T и 444A↔G, что свидетельствует о высоком проценте нуклеотидного сходства (89,9).

Как было сказано выше, к настоящему времени *B. divaricatae* широко распространен по всей территории Республики Беларусь. В связи с тем, что климатические условия в Беларуси отличаются от таковых в пределах первичного ареала данного вида, огромный интерес представляет сравнительное изучение генетической структуры популяций *B. divaricatae* на исходных и новоосвоенных территориях, что было бы крайне полезно с точки зрения изучения механизмов, позволяющих инвадерам расширять ареал. Сравнительный анализ нуклеотидных последовательностей *B. divaricatae* с нуклеотидными

последовательностями близкородственного вида *B. lychnidis*, развивающегося на *Melandrium* spp. и *Silene* spp., и не близкородственного *B. aconiti* – на *Aconitum* sp. и *Delphinium* sp., и никак не связанных с алычой, позволяет изучить уровень внутривидовой вариабельности, типичной для представителей этого рода. Интересными с практической точки зрения являются результаты анализа нуклеотидных последовательностей *B. divaricatae* и *B. prunicola*, так как оба эти вида тлей отмечаются на алыче, но эволюционно удалены.

В рамках данного исследования был проведен сравнительный анализ последовательностей гена COI видов, присутствующих в фауне Беларуси, с ортологичными последовательностями: *B. aconiti* [KF639127], *B. lychnidis* [KP408015, KF639218], *B. prunicola* [KF639229], *B. divaricatae* [EU189691, JN904129, KP407896] в области с 72 по 687 нуклеотид полного гена. Для оценки сходства нуклеотидных последовательностей тлей рода *Brachycaudus*, коллектированных на разных территориях, был проведен кластерный анализ. В качестве внешней группы были приняты последовательности (рисунок 3) двух видов рода *Dysaphis*: *Dysaphis newskyi ossiannilssoni*, *Dysaphis apiifolia petroselini*.

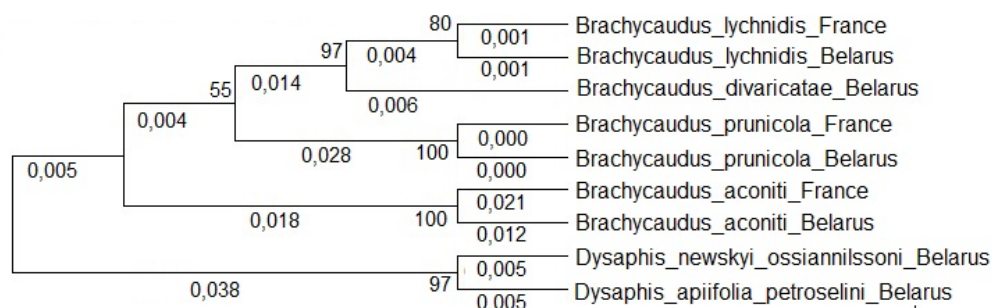


Рисунок 3 – Дендрограмма, указывающая на сходство нуклеотидных последовательностей тлей рода *Brachycaudus*, построенная с использованием метода минимума эволюции на основе последовательности COI

На рисунке 3 видно, что сравниваемые образцы разделились на три кластера с высоким значением индекса бутстрепа. С генетической точки зрения тли *B. divaricatae*, коллектированные в Беларуси, оказались наиболее близки к *B. lychnidis*, коллектированным в Беларуси и Франции, и несколько сильнее разнились от *B. prunicola*.

Образцы *B. prunicola*, коллектированные в Беларуси и Франции [KF639229], имели идентичные нуклеотидные последовательности, в то время как нуклеотидные последовательности образцов *B. aconiti* из Беларуси отличались от образцов из Франции [KF639127]. Замены были отмечены в четырех сайтах: 114A↔C, 270A↔C, 273C↔T, 378C↔T. Последовательности *B. lychnidis*, коллектированных в Беларуси, отличались от образцов, коллектированных в Литве [KP408015], по трем сайтам: 708G↔A, 709T↔C, 710C↔A, а от образцов из Франции [KF639218] по двум сайтам: 477C↔T, 634T↔C. Генетические дистанции внутри данного вида варьировали от 0,000 до 0,009. Последовательности *B. divaricatae*, коллектированных в Беларуси и Франции [EU189691], также были идентичны, в то время как COI образцов из Беларуси и Литвы [JN904129, JX648549, KP407896] различались в двух сайтах: 670G↔A и 709T↔A (99,9% нуклеотидного сходства) (рисунок 4). Парные генетические дистанции между сравниваемыми образцами *B. divaricatae* варьировали от 0,000 до 0,004.

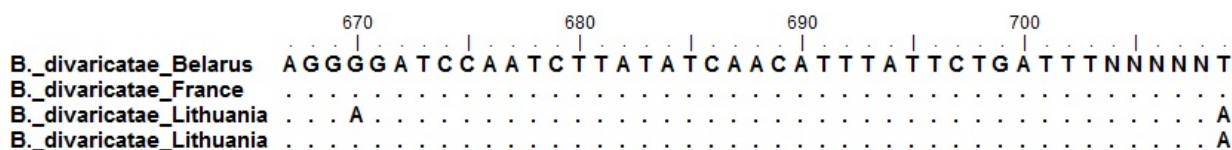
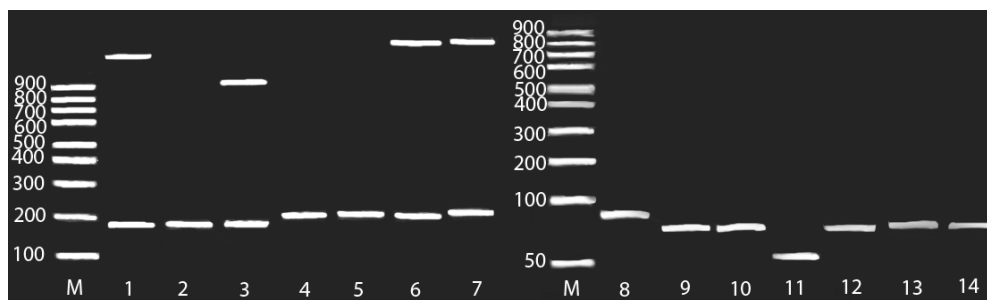


Рисунок 4 – Участок нуклеотидной последовательности COI *Brachycaudus divaricatae* коллектированных в Беларуси, Франции и Литвы

В результате анализа нуклеотидной последовательности COI тлей рода *Brachycaudus* установлено, что *B. divaricatae*, коллектированные на территории Беларуси, не обладают уникальным гаплотипом и имеют низкий уровень генетической вариабельности.

Как известно, анализ последовательностей консервативных генов, таких как COI, позволяет выявить значительные различия в геномах, обычно характерные для генетически изолированных линий. Для подробного изучения внутрипопуляционной вариабельности тлей мы провели анализ микросателлитных локусов для *M. knautiae*, коллектированных в Беларуси, *M. rosae* и *B. divaricatae*, коллектированных в Беларуси и Армении. В результате было установлено, что STR фрагменты у исследованных образцов различались по длине и числу выявленных аллелей (рисунок 5).



1–3 *Brachycaudus divaricatae*, коллектированные в Армении;

4–7 *B. divaricatae*, коллектированные в Беларуси; 8–10 *Macrosiphum rosae*, коллектированные в Армении; 11–14 *M. rosae*, коллектированные в Беларуси

Рисунок 5 – Электрофореграммы результатов диагностики ПЦР тлей

У тлей рода *Macrosiphum* количество наблюдаемых аллелей разных локусов варьировало от 4 до 8, причем у образцов, собранных на территории Армении, отмечено большее число аллелей локуса *Me5* (8 аллелей), а на территории Беларуси – *Me7* и *Me9* (по 8 аллелей каждого локуса). У образцов *B. divaricatae* общее количество наблюдаемых аллелей варьировало от 3 до 7. У образцов, коллектированных на территории Армении, было отмечено наибольшее число аллелей локуса *Me1* (7 аллелей), в то время как из Беларуси – *Me7* (6 аллелей).

На основе бинарной дистанционной матрицы рассчитали парные генетические дистанции отдельно для сестринских тлей *M. rosae* и *M. knautiae*, коллектированных в Беларуси, и для тлей из Армении (таблица 2).

Таблица 2 – Генетические дистанции, рассчитанные по исследованным STR-локусам, между *Macrosiphum rosae/knautiae*, коллектированными в Беларуси, и *M. rosae* из Армении

| Локус | Генетические дистанции | |
|------------|---------------------------------------|--------------------------------------|
| | сборы тлей из Беларуси, min–max (av.) | сборы тлей из Армении, min–max (av.) |
| <i>Me1</i> | 0,00000–0,70014 (0,46889) | 0,00000–0,68465 (0,48357) |
| <i>Me5</i> | 0,00000–0,72111 (0,45134) | 0,00000–0,72111 (0,48610) |
| <i>Me7</i> | 0,00000–0,73855 (0,48412) | 0,00000–0,67612 (0,47761) |
| <i>Me9</i> | 0,00000–0,70711 (0,39337) | 0,00000–0,84017 (0,45719) |

Внутри сравниваемой группы тлей величины генетических дистанций различались по каждому локусу как у «белорусских», так и у «армянских» популяций, однако значимых различий обнаружено не было.

По уровню сходства/различия STR-паттернов были рассчитаны генетические дистанции отдельно для тлей, коллектированных в Беларуси и Армении (таблица 3). Значения генетических дистанций между образцами из Армении (аборигены) незначительно

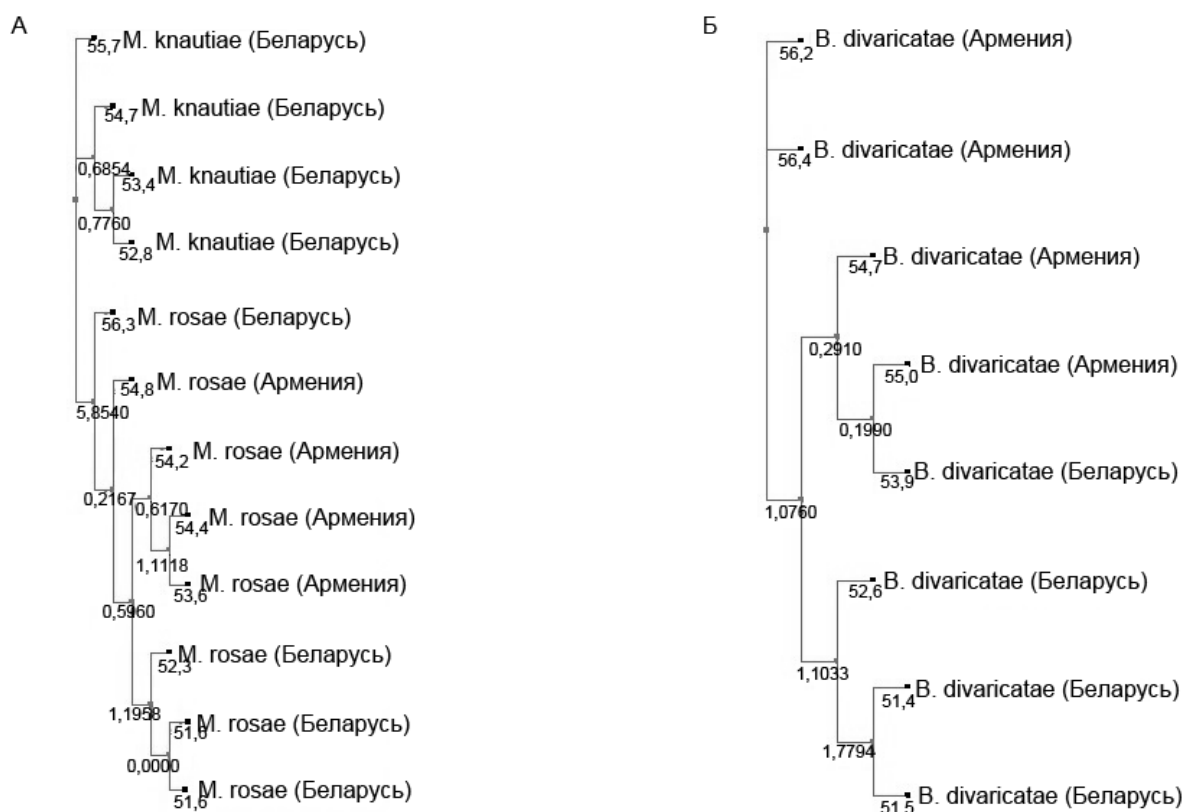
превышали значения генетических дистанций между образцами из Беларуси (инвайдеры), что свидетельствует о низком уровне общей внутрипопуляционной вариабельности.

Таблица 3 – Генетические дистанции, рассчитанные по исследованным STR-локусам, между *Brachycaudus divaricatae*, коллектированными в Беларуси и Армении

| Локус | Генетические дистанции | |
|------------|---------------------------------------|--------------------------------------|
| | сборы тлей из Беларуси, min–max (av.) | сборы тлей из Армении, min–max (av.) |
| <i>Me1</i> | 0,00000–0,73193 (0,47443) | 0,00000–0,67000 (0,42989) |
| <i>Me5</i> | 0,00000–0,69156 (0,46714) | 0,00000–0,72111 (0,45618) |
| <i>Me7</i> | 0,00000–0,67202 (0,478949) | 0,00000–0,80440 (0,48603) |
| <i>Me9</i> | 0,00000–0,85870 (0,44814) | 0,00000–0,84017 (0,45719) |

Значения генетических дистанций между образцами из Армении (аборигены) незначительно превышали значения генетических дистанций между образцами из Беларуси (инвайдеры), что свидетельствует о низком уровне внутрипопуляционной вариабельности.

На основе рассчитанных парных генетических дистанций были построены кладограммы, отражающие уровень генетических различий между близкородственными видами *M. rosae/knautiae*, коллектированными в Беларуси, и *M. rosae* из Армении, а также между образцами *B. divaricatae*, коллектированными в Беларуси и Армении (рисунок 6).



А – локус *Me9*; Б – локус *Me7*

Рисунок 6 – Результаты сравнения STR-паттернов *Macrosiphum rosae*, *M. knautiae* и *Brachycaudus divaricatae*, коллектированных на территории Армении и Беларуси

Интересными являются результаты, полученные по локусам *Me9*, для образцов *M. rosae/knautiae* и *Me7* для образцов *B. divaricatae*. На кладограмме видно, что образцы *M. knautiae*, коллектированные в Беларуси, представляют собой единый кластер, хорошо отделившийся от образцов *M. rosae*. Тли *M. rosae*, собранные на территории Беларуси, не

образуют единого кластера. Среди них обнаружались образцы, которые на кладограмме структурировались с образцами тлей из Армении. Данный факт свидетельствует об отсутствии принципиальных отличий в количестве аллелей и длине STR-локусов между популяциями *M. rosae* из Армении и Беларуси.

Образцы *B. divaricatae*, коллектированные на территории Беларуси, на кладограмме не образуют единого кластера, что свидетельствует о существовании среди них нескольких независимых генетических линий. Данный факт позволяет предположить, что *B. divaricatae* проникали на территорию Беларуси неоднократно и принадлежат к нескольким линиям.

При анализе вариабельности длин микросателлитных аллелей, а также частоты встречаемости конкретных аллелей и наличия уникальных аллелей в популяциях мы обнаружили, что *B. divaricatae*, коллектированные в Беларуси, в общем, обладают меньшим уровнем генетического разнообразия, чем аборигенные популяции этого вида из Армении, хотя эти различия не были существенными. Сравнение данных, полученных для инвайдеров (*B. divaricatae* из Беларуси), аборигенов (*B. divaricatae* из Армении), а также всесветно (*M. rosae*) и локально (*M. knautiae*) распространенных форм показало, что влияние эффекта основателя на инвазивные популяции *B. divaricatae* гораздо менее значительно, чем можно было ожидать в соответствии с гипотезой «эффекта основателя». Это свидетельствует о способности тлей осуществлять инвазии на новые территории, сохраняя пул генетической вариабельности популяций практически неизменным, что, возможно, является залогом успешности освоения ими новых территорий.

Выводы

По результатам микросателлитного анализа генетические различия между образцами двух сестринских видов рода *Macrosiphum* – *M. rosae* и *M. knautiae* являются невысокими.

При анализе генетической структуры популяций *M. rosae* из Беларуси и Армении было установлено, что первые обладали более высоким уровнем генетической изменчивости, чем вторые. В то же время инвазивные популяции *B. divaricatae* в Беларуси обладали более низким уровнем генетической вариабельности, чем аборигенные из Армении, хотя эти различия не были разительными. Полученные данные позволяют утверждать, что инвазия *B. divaricatae* на территорию Беларуси сопровождалась потерей общей генетической вариабельности, что вполне соответствует гипотезе о влиянии эффекта основателя на генетический полиморфизм популяций. Однако сравнение данных, полученных для инвайдеров, аборигенов, а также локально распространенных форм, показало, что влияние эффекта основателя на инвазивные популяции *B. divaricatae* гораздо менее существенно, чем можно было ожидать.

Благодарности

Авторы выражают огромную признательность доктору биологических наук, профессору, заведующему кафедрой зоологии С.В. Буге за ценные советы, позволившие улучшить содержание статьи, доктору биологических наук, профессору, заведующему кафедрой микробиологии В.А. Прокулевичу и заведующему НИЛ биотехнологии М.И. Потаповичу за помощь в проведении исследований.

Список литературы

1. Dohlen, C.D. A test of morphological hypotheses for tribal and subtribal relationships of Aphidinae (Insecta; Hemiptera: Aphididae) using DNA sequences / C.D. Dohlen, C.A. Rowe, O.E. Heie // *Molecular Phylogenetics and Evolution*. – 2006. – V. 38. – P. 316–329.

2. Ухова, О.В. Фауна и экология тлей (Homoptera, Aphidinea) биостанции Уральского Государственного Университета / О.В. Ухова, Г.А. Замшина, Н.В. Николаева // *Биосфера Земли: прошлое, настоящее и будущее – материалы конференции молодых ученых, Екатеринбург, 21–25 апреля 2008, ИЭРиЖУрО РАН*. – Екатеринбург: «Гощицкий», 2008. – 348 с.

3. Буга, С.В. Тли (Homoptera, Aphididae) – вредители традиционных плодовых культур в условиях Беларуси: современное состояние и тенденции изменения состава и вредоносности /

С.В. Буга, Н.В. Воронова, Ф.В. Сауткин // Плодоводство и ягодоводство России. – 2013. – Т. 36, н. 1. – С. 64–69.

4. Fauna Europaea [Electronic resource]. – 2000–2014. – Mode of access: <http://www.faunaeur.org/> – Date of access: 02.09.2015.

5. Шапошников, Г.Х. Филогенетическое обоснование системы короткохвостых тлей (Anuraphidina) с учетом их связей с растениями. / Г.Х. Шапошников // Труды Зоологического института АН СССР. – 1956. – Т. 23. – С. 215–320.

6. Rakauskas, R. *Brachycaudus divaricatae* Shaposhnikov, 1956 in Europe: biology, morphology and distribution, with comments on its taxonomic position (Hemiptera, Sternorrhyncha: Aphididae) / R. Rakauskas, J. Turčinavičienė // Zoosystematics and Evolution. – 2006. – V. 82 (2). – P. 248–260.

7. Cichocka E., Lubiarski M. Aphids colonizing cherry plum (*Prunus cerasifera* Ehrh.) trimmed hedges // Aphids and Other Hemipterous Insects. – 2003. – V. 9. – P. 37–44.

8. Osiadacz B., Hałaj R. Systematic review of aphids (Hemiptera: Sternorrhyncha: Aphidomorpha) of Poland with host plant index // Silesian Natural History Monographs. – 2010. – V. 1. – 192 p.

9. Rakauskas R., Buga S. Contribution to the knowledge of the aphid (Hemiptera, Sternorrhyncha: Aphidoidea) fauna of the Gorodok Highland, Belarus // Acta Zool. Lituanica. – 2010. – V. 20 (4). – P. 205–224.

10. Воронова, Н.В. Микросателлитный анализ тлей комплекса *Macrosiphum rosae* / *knautiae* / *silvaticum* (Homoptera: Aphididae) фауны Беларуси / Н.В. Воронова // Вестник Гродненского государственного университета им. Я. Купалы. Серия 5. – 2012. – № 2 (131). – С. 131–135.

11. Воронова, Н.В. Морфометрический анализ тлей *Brachycaudus divaricatae* Shar. (Rhynchoza; Aphididae): варьирование значений признаков между аборигенными и инвазивными популяциями / Н.В. Воронова, Е.М. Сетракова, Г.А. Карагян, А.Э. Айвазян, С.В. Буга // Вестник Гродненского государственного университета им. Я. Купалы. Серия 5. – 2014. – № 2 (177). – С. 136–143.

12. Characterization of polymorphic microsatellite loci in the aphid species *Macrosiphum euphorbiae* (Hemiptera: Aphididae) / F. Raboudi [et al.] // Molecular Ecology Notes. – 2005. – V. 5, n. 3. – P. 490–492.

13. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates / O. Folmer [et al.] // Molecular Biology and Biotechnology. – 1994. – V. 3, n 5. – P. 294–299.

GENETIC VARIABILITY OF ABORIGINAL AND INVASIVE SPECIES OF APHIDS OF GENERA MACROSIPHUM PASS. AND BRACHYCAUDUS VAN DER GOOT

M.M. Varabyova, P.K. Supranovich, N.V. Voronova

Belarusian State University, Minsk, Belarus

The study of genetic structure of populations of aphid of genera *Macrosiphum* and *Brachycaudus* in Belarus and Armenia was carried out. Methods for analysis of non-coding (STR) and highly conserved (COI) DNA were used to compare the level of genetic variability of invasive and aborigine populations. It was shown that the genetic variability within populations of *M. rosae* and *M. knautiae* was not high, despite the significant geographical remoteness. The samples from Belarus were more variable than samples that samples collected in Armenia. The invasive populations of *B. divaricatae* from Belarus had a lower level of genetic variability in comparison with the aborigine forms from Armenia.